

日本国特許庁
JAPAN PATENT OFFICE

23. 3. 2004

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

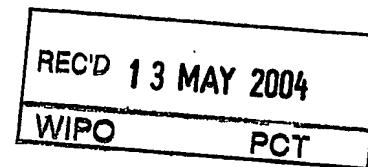
This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日
Date of Application: 2003年 3月24日

出願番号
Application Number: 特願2003-081337

[ST. 10/C]: [JP2003-081337]

出願人
Applicant(s): 学校法人日本医科大学

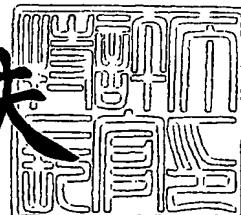


PRIORITY DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH
RULE 17.1(a) OR (b)

2004年 4月22日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

今井康夫



【書類名】 特許願
【整理番号】 P02-1021
【提出日】 平成15年 3月24日
【あて先】 特許庁長官 殿
【国際特許分類】 C12N 15/09
A61K 38/00
A61P 35/00
【発明の名称】 血管新生している内皮細胞に特異的に作用する細胞死誘導融合遺伝子及びその遺伝子産物
【請求項の数】 12
【発明者】
【住所又は居所】 東京都文京区千駄木1丁目1番5号 日本医科大学内
【氏名】 太田 成男
【発明者】
【住所又は居所】 東京都文京区千駄木1丁目1番5号 日本医科大学内
【氏名】 麻生 定光
【特許出願人】
【識別番号】 803000034
【氏名又は名称】 学校法人 日本医科大学
【代理人】
【識別番号】 100091096
【弁理士】
【氏名又は名称】 平木 祐輔
【選任した代理人】
【識別番号】 100118773
【弁理士】
【氏名又は名称】 藤田 節

【選任した代理人】

【識別番号】 100111741

【弁理士】

【氏名又は名称】 田中 夏夫

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 015244

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 血管新生している内皮細胞に特異的に作用する細胞死誘導融合遺伝子及びその遺伝子産物

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 血管新生している内皮細胞の表面受容体に特異的に作用する細胞死誘導遺伝子を含む融合遺伝子であって、血管新生している内皮細胞の表面受容体に特異的なホーミングシグナルペプチド配列をコードする遺伝子、グリーン蛍光タンパク質 (GFP) をコードする遺伝子およびヒトBaxのBH3領域を含むN末端配列を除去した△NBaxをコードする遺伝子をこの順番で融合させた融合遺伝子。

【請求項 2】 ホーミングシグナルペプチド配列が、血管新生している内皮細胞へのホーミングシグナルペプチド配列であるRGDまたはNGRである、請求項 1 記載の融合遺伝子。

【請求項 3】 ヒトBaxのBH3領域を含むN末端配列を除去した△NBaxがヒトBAXのアミノ酸配列第112位から192位のアミノ酸配列からなる、請求項 1 または 2 記載の融合遺伝子。

【請求項 4】 融合遺伝子が以下の(a) または(b) のDNAからなる請求項 1 または 2 記載の融合遺伝子。

(a) 配列番号 3 または 5 で表わされる塩基配列からなるDNA

(b) (a) のDNAの塩基配列からなるDNAと相補的な配列を有するDNAとストリンジエントな条件下でハイブリダイズし、かつ血管新生している内皮細胞に結合し、促進された細胞死誘導作用を有するタンパク質をコードするDNA

【請求項 5】 請求項 1 から 4 のいずれか 1 項に記載の融合遺伝子を含む発現ベクター。

【請求項 6】 発現ベクターが無細胞系で融合遺伝子を発現し得る請求項 5 記載の発現ベクター。

【請求項 7】 請求項 6 記載の発現ベクターを *in vitro* で発現させることを含む、請求項 1 から 4 のいずれか 1 項に記載の融合遺伝子がコードする融合タンパク質を製造する方法。

【請求項8】 血管新生している内皮細胞の表面受容体に特異的に作用する細胞死誘導タンパク質を含む融合タンパク質であって、血管新生している内皮細胞の表面受容体に特異的なホーミングシグナルペプチド配列、グリーン蛍光タンパク質(GFP)およびヒトBaxのBH3領域を含むN末端配列を除去した△NBaxタンパク質をこの順番で融合させた融合タンパク質。

【請求項9】 ホーミングシグナルペプチド配列が、血管新生している内皮細胞へのホーミングシグナルペプチド配列であるRGDまたはNGRである、請求項8記載の融合タンパク質。

【請求項10】 ヒトBaxのBH3領域を含むN末端配列を除去した△NBaxがヒトBAXのアミノ酸配列第112位から192位のアミノ酸配列からなる、請求項8または9記載の融合タンパク質。

【請求項11】 以下の(c)若しくは(d)に示す請求項8または9に記載の融合タンパク質。

(c) 配列番号4または6で表されるアミノ酸配列を有する融合タンパク質

(d) (c)の融合タンパク質アミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列を有し、かつ血管新生している内皮細胞に結合し、促進された細胞死誘導作用を有するタンパク質

【請求項12】 請求項8から11のいずれか1項に記載の融合タンパク質を含む癌細胞増殖抑制剤。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、強力な細胞死誘導作用を有するタンパク質、すなわちGFPをN末端に融合した改変型Baxタンパク質のN末端側にさらに血管新生している内皮細胞の表面受容体へのホーミング作用を有するホーミングシグナルペプチドを融合させた融合タンパク質、該融合タンパク質をコードする遺伝子、および該融合タンパク質を含む癌細胞増殖抑制剤に関する。

【0002】

【従来の技術】

アポトーシスはプログラムされた細胞死であり、Bax遺伝子は強力なアポトーシス誘導遺伝子として知られている。一方、アポトーシスを抑制する癌遺伝子として、Bcl-2遺伝子が知られており、Bcl-2タンパク質に相同性を示す多数のBcl-2ファミリーに属するタンパク質が知られている（Bcl-2、Bcl-XL等）。

【0003】

アポトーシスあるいは広く細胞死を誘導する遺伝子の癌細胞への導入は抗癌治療の有望な方法であるが、近年Bcl-2、Bcl-XL等のBcl-2ファミリーのタンパク質が癌細胞において発現し、Baxタンパク質の細胞死誘導に対して拮抗作用を示すことが報告されている。Bcl-2ファミリータンパク質はBaxタンパク質のBH3と呼ばれる領域を介してBaxタンパク質と結合し、拮抗作用を示す。本発明者は、BH3領域を含むN末端を欠損させた第112位から192位のアミノ酸からなるN端側欠失Bax (Δ NBax)について検討し、 Δ NBaxが細胞死誘導遺伝子Baxの細胞死誘導領域であることを報告した（非特許文献1を参照）。 Δ NBaxをプロモーターの下流に連結し、細胞中で発現させると細胞死を誘導し、またBcl-XLと強発現させた場合でも細胞死誘導活性が阻害されることはなかった。この Δ NBaxをコードする遺伝子、該遺伝子を含むベクターおよび Δ NBaxペプチドを癌細胞増殖抑制に用い得ることについても報告されている（特許文献1参照）。

【0004】

一方、抗癌剤等の薬剤を細胞に特異的に導入するためのホーミングシグナルペプチドが現在種々研究されている。例えば、NGR、RGDと命名されたペプチドは血管新生している内皮細胞に選択的に作用することが知られており（非特許文献2参照）、癌組織中の血管新生している内皮細胞の表面受容体への特異的ホーミングシグナルペプチドとして使用できる可能性がある。

【0005】

現在癌の治療は主に抗がん剤を投与する化学療法、放射線を患部に照射する放射線療法、抗癌細胞抗体を投与する免疫療法および遺伝子治療によっている。しかし、化学療法や放射線療法は各種の副作用が問題となっている。また、免疫療法は長期間の経過を要し、さらに遺伝子療法では遺伝子の患者に対する作用等安全性の面で開発に多大な労力を要する。このため分子量の大きな癌細胞に直接作

用するタンパク質を標的部位に直接作用する癌治療法が望まれていたが、従来は癌細胞の増殖を強く抑制し、なおかつ癌細胞に特異的に作用するタンパク質であって、癌治療に確実に用い得るものはなかった。△NBaxを特異的に癌組織中の血管新生している内皮細胞の表面受容体に作用させることができれば、従来の方法の有する欠点を解消し、より効率的な癌細胞増殖抑制剤として利用されることが期待されていた。しかし、従来このような検討はされていなかった。また、△NBaxはそのままでもアポトーシス誘導活性を有するが、より強力なアポトーシス誘導活性をもつ△NBaxが望まれていた。

【0006】

【特許文献1】

特開2002-355034号公報

【非特許文献1】

Biochem Biophys Res Commun. 1998 Feb 13; 243(2):609-616

【非特許文献2】

Nat Med. 1999 Sep; 5(9):1032-1038

【0007】

【発明が解決しようとする課題】

本願発明は、改変型Baxである△NBaxのアポトーシス誘導作用を増大させ、さらに血管新生している内皮細胞の表面受容体に特異的に作用させることを目的とする。具体的には、△NBaxに血管新生している内皮細胞の表面受容体特異的なホーミングシグナルペプチドおよびグリーン蛍光タンパク質 (Green Fluorescent Protein、GFP) をホーミングシグナルペプチド、GFP、△NBaxの順で融合させた融合タンパク質およびそれをコードする遺伝子、ならびにそれらを含む抗癌剤を提供することを目的とする。

【0008】

【課題を解決するための手段】

本発明者は△NBaxの作用の検討を行うために、△NBaxのN末端側に△NBaxの細胞内の局在の視覚化を容易にすべくGFPを融合した融合タンパク質を作製し、株式会社に導入し細胞死誘導作用を調べた。その結果、驚くべきことにGFPと融合

した△NBaxの細胞死誘導作用が促進されていることを見出した。さらに、本発明者はGFPと融合しアポトーシス誘導作用が促進された△NBaxを癌組織中の血管新生している内皮細胞の表面受容体に特異的に作用させる方法について鋭意検討を行った結果、NGR、RGD等のホーミングシグナルペプチドをGFPのN末端側に融合させることにより、アポトーシス誘導作用が促進された△NBaxを血管新生している内皮細胞の表面受容体で特異的に作用させることができることを見出し本発明を完成させるに至った。

すなわち、本発明は以下の通りである。

【0009】

- [1] 血管新生している内皮細胞の表面受容体に特異的に作用する細胞死誘導遺伝子を含む融合遺伝子であって、血管新生している内皮細胞の表面受容体に特異的なホーミングシグナルペプチド配列をコードする遺伝子、グリーン蛍光タンパク質（GFP）をコードする遺伝子およびヒトBaxのBH3領域を含むN末端配列を除去した△NBaxをコードする遺伝子をこの順番で融合させた融合遺伝子、
- [2] ホーミングシグナルペプチド配列が、血管新生している内皮細胞へのホーミングシグナルペプチド配列であるRGDまたはNGRである、[1]の融合遺伝子、
- [3] ヒトBaxのBH3領域を含むN末端配列を除去した△NBaxがヒトBAXのアミノ酸配列第112位から192位のアミノ酸配列からなる、[1]または[2]の融合遺伝子、
- [4] 融合遺伝子が以下の(a)または(b)のDNAからなる[1]または[2]の融合遺伝子、
 - (a) 配列番号3または5で表わされる塩基配列からなるDNA
 - (b) (a)のDNAの塩基配列からなるDNAと相補的な配列を有するDNAとストリンジエントな条件下でハイブリダイズし、かつ血管新生している内皮細胞に結合し、促進された細胞死誘導作用を有するタンパク質をコードするDNA
- [5] [1]から[4]のいずれかの融合遺伝子を含む発現ベクター、
- [6] 発現ベクターが無細胞系で融合遺伝子を発現し得る[5]の発現ベクター、
- [7] [6]の発現ベクターを *in vitro* で発現させることを含む、[1]から[4]のいずれかの融合遺伝子がコードする融合タンパク質を製造する方法、
- [8] 血管新生している内皮細胞の表面受容体に特異的に作用する細胞死誘導タ

ンパク質を含む融合タンパク質であって、血管新生している内皮細胞の表面受容体に特異的なホーミングシグナルペプチド配列、グリーン蛍光タンパク質（GFP）およびヒトBaxのBH3領域を含むN末端配列を除去した△NBaxタンパク質をこの順番で融合させた融合タンパク質、

[9] ホーミングシグナルペプチド配列が、血管新生している内皮細胞へのホーミングシグナルペプチド配列であるRGDまたはNGRである、[8]の融合タンパク質、

[10] ヒトBaxのBH3領域を含むN末端配列を除去した△NBaxがヒトBAXのアミノ酸配列第112位から192位のアミノ酸配列からなる、[8]または[9]の融合タンパク質、

[11] 以下の(c)若しくは(d)に示す[8]または[9]の融合タンパク質、および

(c) 配列番号4または6で表されるアミノ酸配列を有する融合タンパク質

(d) (c)の融合タンパク質アミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列を有し、かつ血管新生している内皮細胞に結合し、促進された細胞死誘導作用を有するタンパク質

[12] [8]から[11]のいずれかの融合タンパク質を含む癌細胞増殖抑制剤。

以下、本発明を詳細に説明する。

【0010】

【発明の実施の形態】

本願発明は細胞死誘導遺伝子ヒトBaxの細胞死誘導領域部分を含む融合遺伝子およびその遺伝子がコードするタンパク質であり、該融合遺伝子はホーミングシグナルペプチドをコードする遺伝子およびGFP(Green Fluorescent peptide)をコードする遺伝子を含み、5'側からホーミングシグナルペプチドをコードする遺伝子、GFPをコードする遺伝子およびBaxの細胞死誘導領域部分の順番で連結されている。

【0011】

Baxの細胞死誘導領域部分は、BaxのBH1領域、BH2領域およびBH3領域のうち、Baxタンパク質の細胞死誘導作用に対して拮抗的に作用するBcl-2ファミリーのタ

ンパク質が相互作用するBH3領域を除いた部分である。BH3領域はBaxのN端側のアミノ酸配列の第59位から73位または77位をコア領域としており、Baxの細胞死誘導領域部分を含む改変型BaxはBax遺伝子の5'端側のBaxタンパク質のN端側のアミノ酸配列の少なくとも第59位から73位または77位に相当するヌクレオチドを欠失させたもの（ Δ NBax）である。このようなBaxの細胞死誘導領域部分を含む改変型Baxとして、Bax遺伝子がコードする192アミノ酸からなるBaxタンパク質の第112位のアミノ酸から第192位のアミノ酸をコードする243塩基からなるポリヌクレオチドが好ましい。ヒトBax遺伝子の塩基配列を配列番号1に、ヒトBaxタンパク質のアミノ酸配列を配列番号2に示す。この配列情報からヒトBax cDNAを通常の遺伝子工学的技法により合成し、制限酵素等を用いて Δ NBax遺伝子を得ることができる。例えば、Biochem Biophys Res Commun. 1998 Feb 13; 243(2):609-616に記載の方法により取得できる。

【0012】

本発明において、 Δ NBax遺伝子は好適には配列番号1で表される塩基配列の第334位～第576位の塩基配列からなるDNA（Baxタンパク質の第112位～192位のアミノ酸配列に相当）からなる遺伝子であるが、該DNAに相補的なDNAとストリンジエントな条件下でハイブリダイズし、かつ細胞死誘導作用を有するタンパク質をコードするDNAからなる遺伝子も含まれる。ストリンジエントな条件とは、例えば、ナトリウム濃度が500～1000mM、好ましくは700mMであり、温度が50～70℃、好ましくは65℃での条件をいう。また配列番号1で表される塩基配列の第334位～第576位の塩基配列からなるDNAと、BLAST等（例えば、デフォルトすなわち初期設定のパラメータを用いて）を用いて計算したときに、少なくとも85%以上、好ましくは90%以上、さらに好ましくは95%以上、特に好ましくは97%以上の相同性を有しており細胞死誘導作用を有するタンパク質をコードするDNAからなる遺伝子も含まれる。さらに、配列番号1で表される塩基配列の第334位～第576位の塩基配列からなるDNAにおいて、1または複数の塩基が欠失、置換、付加され、かつ細胞死誘導作用を有するタンパク質をコードするDNAからなる遺伝子も含まれる。ここで、細胞死誘導作用とは、細胞に細胞死を起こさせる作用をいい、アポトーシスとネクローシスがある。例えば、細胞死の一形態であるアポトーシス

により細胞核の染色体凝集、細胞核の断片化、細胞表層微絨毛の消失、細胞質の凝縮という特徴的な形態が現れる。Baxはもともとアポトーシス誘導（促進）タンパク質として発見されたが、Baxは細胞によってはネクローシスも引き起こすことが報告されている（Shinomura, N., et al. Oncogene, Vol.18:5703(1999)）。本明細書において細胞死という場合、アポトーシスとネクローシスの両方が含まれている。タンパク質が細胞死誘導作用を有するか否かは、本願明細書の実施例4の方法に従いin vitroで決定することができる。

【0013】

GFPは、クラゲAequorea victoria由来のgfp 10遺伝子によりコードされるAequorea victorea由来のものを用いることができる（Prasher, D.C.ら(1992), "Primary structure of the Aequorea victoria green fluorescent protein", Gene 111: 229-233）。また、GFP遺伝子は市販のものも用いることができ、例えば市販のベクターpGreenlantern(Invitrogen LifeTechnology)（特表2000-503536号公報）に含まれるGFPをコードする遺伝子を用いることもできる。配列番号3の第40位から753位の塩基配列（配列番号5では、第28位から第741位）がGFPをコードする遺伝子の配列を示す。また、種々の改変型GFPが知られており、これらの改変型GFPを本発明のGFPとして用いることもできる。このような改変型GFPとしてEGFP(enhaned green fluorescent protein)、GFPuv、GFPmut3.1、BFP2（すべてClonetech社から入手可能）、Venus(Nature Biotechnology January 2002 Vol.20-1, 87-90)、S65Tが挙げられる。また、GFPの蛍光色の変異体である、EBFP(Blue)、ECFP(Cyan)、EYFP(Yellow)（すべてCLONTECH社から入手可能）も本発明のGFPとして使用できる。これらの改変型GFPは例えば、『実験医学別冊ポストゲノム時代の実験講座3 GFPとバイオイメージング』 宮脇敦史 編、2000年10月25日第1版第1刷発行、羊土社 に詳細に記載されており、この記載を参照して入手することができる。さらに、△NBaxと融合させた場合に△NBaxの細胞死誘導作用をより促進するように改変されたGFPまたはその誘導体タンパク質も本発明のGFPに含まれる。

【0014】

ホーミングシグナルペプチドとは、特定の細胞の表面に発現している受容体（

ホーミングシグナルペプチドのリガンド)と結合するペプチドをいい、体内に投与した場合に体液中を循環しそのホーミングシグナルペプチドが特異的に結合し得る受容体を表面に担持している標的細胞に到達し結合する。ホーミングシグナルペプチドのC末端側に薬剤となりうるタンパク質等と結合させた場合、ホーミングシグナルペプチドは該タンパク質を標的細胞に到達させ該タンパク質がその細胞内部に取り込まれる。本願発明では血管新生している内皮細胞の表面受容体に特異的に結合することにより血管新生している内皮細胞に特異的に結合するペプチドを用いる。ホーミングシグナルペプチドとして、血管新生している内皮細胞のホーミングシグナルペプチド受容体に特異的結合するNGRおよびRGD (Nat Med. 1999 Sep; 5(9):1032-1038) を用いることができ、NGRおよびRGDの塩基配列は、それぞれ配列番号3の第4位から第33位および配列番号5の第7位から第21位の塩基配列で示される。NGRはAminopeptidase N(CD13)に結合し(Pasqualini, R., et al., Cancer Research (2000) 60: 722-727)、RGDはインテグリンの $\alpha v \beta 3$ および $\alpha v \beta 5$ に結合する(Koivunen, E., et al., Bio/Technology (1995) 13: 265-270)ことが知られている。ホーミングシグナルペプチドとしてNGRまたはRGDを用いた場合、ホーミングシグナルは血管新生している内皮細胞にホーミングするので、ホーミングシグナルペプチドと融合した細胞死誘導タンパク質が癌組織中の血管新生している内皮細胞の表面受容体に結合し該内皮細胞に取り込まれ癌組織中の血管新生している細胞の細胞死を引き起こす。癌組織中において癌細胞は血管新生している内皮細胞から生存・増殖に必要な養分を受け取っているので、これらの内皮細胞が細胞死を起こすことにより癌細胞は養分補給を受けられなくなり、癌細胞も死滅する。従って、ホーミングシグナルペプチドと融合した細胞死誘導タンパク質は、最終的に癌細胞を殺す効果がある。また、癌細胞によっては、癌細胞に脱分化した後に血管新生している内皮細胞が有している受容体を発現すると、この場合はホーミングシグナルペプチドが直接癌細胞に結合し、細胞死誘導タンパク質が癌細胞に取り込まれ癌細胞の細胞死を引き起こす。例えば、上述のNGRはカポシ肉腫由来のKS1767癌細胞に結合することが報告されている(Ellerby, H.M., et al. Nature medicine Vol.5:1032(1999))ので、NGRを融合した本発明の融合タンパク質は直接癌細胞の細胞死を引き起こすこと

ができる。但し、ホーミングシグナルペプチドはこれらのペプチドに限定されず、特定組織または器官の細胞に特異的に結合し得る種々のペプチドを、該組織または器官の癌組織へのホーミングのために用いることができ、以下のものが例示できる。

【0015】

(1) 臓器特異的ホーミングシグナルペプチド (Pasqualini, R. & Ruoslahti, E. (Nature 1996 vol. 380, pp. 364-366.))

(a) CLSSRLDAC (配列番号 7) 、 CNSRLHLRC (配列番号 8) 、 CENWWGDVC (配列番号 9) 、 WRCVLREGPAGGCAWFNRHRL (配列番号 10) の 4 個は脳を標的にする。

(b) CLPVASC (配列番号 11) 、 CGAREMC (配列番号 12) の 2 個は腎臓を標的にする。

(2) (関節の) 滑膜を標的にするホーミングシグナルペプチド (Lee, L. et al, (Arthritis Rheum 2002 vol. 46, pp. 2109-2120.))

CKSTHDRLC (配列番号 13)

(3) tumor lymphatics を標的にするホーミングシグナルペプチド (Laakkonen, P ., et al (Nature Medicine 2002 vol. 8, pp. 751-755))

CGNKRTRGC (配列番号 14)

(4) 血管新生している血管内皮細胞を標的にするホーミングシグナルペプチド (Asai, T., et al (FEBS Letter 2002 vol. 520, pp. 167-170.))

APRPG (配列番号 15)

(5) 細胞の表面に存在するインテグリン (インテグリンは総称で、複数の種類がある) に結合するペプチド (Koivunen, E., et al (Method in Enzymology 1994, vol. 245, pp. 346-369.))

KQAGDV (配列番号 16) 、 LDV 、 KRLDGS (配列番号 17) 、 DGEA (配列番号 18) の 4 個が知られている。

【0016】

また、癌抗原に結合する抗癌抗原抗体、または該癌抗原に結合し得るその抗体の断片も本発明においてホーミングシグナルペプチドと同様の作用を有するものとして用いることができる。

【0017】

Baxの細胞死誘導領域を含む部分、GFPおよびホーミングシグナルペプチドは、N末端側からホーミングシグナルペプチド、GFPおよびBaxの細胞死誘導領域を含む部分の順番で融合させる。これは、ホーミングシグナルペプチドは、そのC末端側に存在するタンパク質を標的細胞に導入させることができるのである。またBaxはそのC末端部分に膜融合部位があるのである。 Δ NBaxは単独でも細胞死誘導作用を有しているが、 Δ NBaxのN末端側にGFPを融合させることにより Δ NBaxの細胞死誘導作用が促進される。本発明においてGFPと Δ NBaxの融合タンパク質の促進された細胞死誘導作用とは、 Δ NBax単独で示す細胞死誘導作用よりも強い細胞死誘導作用をいう。GFPと Δ NBaxの融合タンパク質の細胞死誘導作用が促進されているかどうかは、 Δ NBaxタンパク質単独およびGFPと Δ NBaxタンパク質の融合タンパク質の両方を用いて本明細書の実施例1の（2）に記載の方法により両者の細胞死誘導作用を比較すればよい。例えば適当な宿主細胞集団にGFP遺伝子と Δ NBax遺伝子の融合遺伝子を含む適当なベクターおよび Δ NBax遺伝子のみを含む該ベクターをそれぞれ導入し、GFPと Δ NBaxの融合タンパク質および単独の Δ NBaxタンパク質を発現させた場合の生細胞率により細胞死誘導作用を測定した場合、GFPと Δ NBaxの融合タンパク質の細胞死誘導作用は、 Δ NBax単独での細胞死誘導作用よりも有意に強く、好ましくは1.5倍以上強く（ Δ NBax単独での生細胞率がGFPと Δ NBaxの融合タンパク質の生細胞率の1.5倍以上）、さらに好ましくは2倍以上強く、特に好ましくは3倍以上強い。

【0018】

ホーミングシグナルペプチドをコードする遺伝子、GFPをコードする遺伝子およびBaxの細胞死誘導領域部分をコードする遺伝子の融合は、通常の遺伝子組換えの手法により行うことができる。この際、適当な制限部位を導入して行うことができる。上述のようにホーミングシグナルペプチドをコードする遺伝子、GFPをコードする遺伝子およびBaxの細胞死誘導領域部分をコードする遺伝子の順で融合させる。この際、融合する遺伝子の間にストップコドンが現れないようにする。融合する遺伝子の間の距離は限定されず、両者の間にリンカーが含まれてもよい。ホーミングシグナルペプチドの活性および増大された細胞死誘導作用

を有する融合タンパク質が翻訳されるためには、3つの遺伝子のオープンリーディングフレームを合わせるようにする。ホーミングシグナルペプチドとしてRGD、△NBaxとしてヒトBaxタンパク質のアミノ酸配列の第112位から192位のアミノ酸配列からなる△NBaxを用いた場合の融合タンパク質をコードする遺伝子の塩基配列を配列番号3に、ホーミングシグナルペプチドとしてNGR、△NBaxとしてヒトBaxのタンパク質のアミノ酸配列の第112位から192位のアミノ酸配列からなる△NBaxを用いた場合の融合タンパク質をコードする遺伝子の塩基配列を配列番号5に示す。該DNAに相補的なDNAとストリンジエントな条件下でハイブリダイズし、かつ血管新生している内皮細胞に結合し、△NBax単独よりも促進された細胞死誘導作用を有するタンパク質をコードするDNAからなる遺伝子も本発明の遺伝子に含まれる。ストリンジエントな条件とは、例えば、ナトリウム濃度が500～1000mM、好ましくは700mMであり、温度が50～70℃、好ましくは65℃での条件をいう。また配列番号3または5で表される塩基配列からなるDNAと、BLAST等（例えば、デフォルトすなわち初期設定のパラメータを用いて）を用いて計算したときに、少なくとも85%以上、好ましくは90%以上、さらに好ましくは95%以上、特に好ましくは97%以上の相同性を有しておりコードする融合タンパク質が血管新生している内皮細胞に結合し、△NBax単独よりも促進された細胞死誘導作用を有するDNAからなる遺伝子も含まれる。さらに、配列番号1で表される塩基配列からなるDNAにおいて、1または複数の塩基が欠失、置換、付加され、かつ血管新生している内皮細胞に結合し、△NBax単独よりも促進された細胞死誘導作用を有するタンパク質をコードするDNAからなる遺伝子も含まれる。

【0019】

ホーミングシグナルペプチドとしてRGDおよびNGR以外のものを用いた場合も、融合遺伝子全体として上述のように一部の塩基が欠失、置換、付加された配列を有する融合遺伝子も、用いたホーミングシグナルペプチドがその標的細胞に結合し、促進された細胞死誘導作用を有する限り、本発明の融合遺伝子に含まれる。

【0020】

このようにして作製した融合遺伝子を入手可能な適当な発現ベクターに組み込んで、発現させ、目的の融合タンパク質を回収、精製することができる。但し、

この際発現ベクターを宿主細胞に導入してタンパク質を発現させようとする場合、△NBaxの細胞死誘導作用で、宿主細胞が死に易くなるので、無細胞系（セルフリーシステム）で発現させるのが望ましい。ここで無細胞系での発現とは、発現させようとする遺伝子を含む発現ベクターを宿主細胞に導入することなく、in vitro で必要な試薬と混合し遺伝子を発現させることをいう(Spirin, A.S. et al., (1988)"A continuous cell-free translation system capable of production polypeptides in high yield" Science 242, 1162; Kim, D.M., et al., (1996)"A highly efficient cell-free protein synthesis system from E.coli" Eur.J.Biochem. 239, 881-886)。市販の無細胞発現キットを用いてタンパク質を発現させることができる。このようなキットとして例えば、Rapid Translation System (RTS) (Roche) やExpressway In Vitro Protein Synthesis System (Invitrogen)等がある。この際、用いる発現ベクターは限定されないが、それぞれの無細胞系発現システムに適したベクターがあるのでそれを使用すればよい。前者のキット用発現ベクターとして、pIVEX2.2bNdeが挙げられ、後者のキット用発現ベクターとして、pEXP1やpEXP2が挙げられる。

【0021】

また、本発明の融合遺伝子を含む発現ベクターを宿主細胞に組込んで発現させる細胞を用いる発現システムで本発明の融合遺伝子を発現させ、本発明の融合タンパク質を発現させる場合は、融合遺伝子が常に発現していては、細胞死誘導タンパク質の作用により宿主細胞が細胞死を起こして増殖できなくなってしまう。そのため、宿主細胞を充分増殖させてから、発現融合タンパク質が細胞壊死を引き起こすまでの間に融合遺伝子を発現させる為に、発現誘導システムを有する宿主細胞を用いる必要がある。発現誘導システムを有する宿主細胞を用いることにより、融合遺伝子を有する宿主細胞を充分増殖させた後に発現を誘導すれば、宿主細胞に細胞死が起こる前に充分な量の融合タンパク質を得ることができる。遺伝子を誘導的に発現し得るベクターとは、特定の処理を施すことにより組込まれた外来遺伝子の発現が誘導されるベクターをいう。例えば、特定の調節物質または温度条件で発現を誘導または抑制し得るプロモーターをベクターに組込むことにより誘導型発現ベクターを構築することが可能である。このようなプロモータ

ーとして宿主細胞の培養培地中に誘導物質である薬剤を導入することにより特異的に誘導するプロモーターがある。例えばlacプロモーター、tacプロモーターはイソプロピル- β -D-チオガラクトピラノシド (IPTG) で発現が誘導される。また、T7プロモーター系において、T7 RNAポリメラーゼDNA (T7 DNA1) がlacプロモーターの下流に連結されている場合においても、発現誘導物質としてIPTGが用いられる。さらに、trpプロモーターは3- β -インドリルアクリル酸で発現が誘導される。発現誘導は、発現誘導物質の添加のみならず、培養温度を変化させることによって行ってよい。 λ cItsリプレッサーおよび λ PLプロモーターを含有する発現ベクターを有する組換え体を使用する場合、培養を、例えば約15~36°C、好ましくは約30~36°Cで行い、 λ cItsリプレッサーの不活性による発現誘導を、例えば約37~42°Cで行うのが好ましい。T7プロモータの系においても、T7 RNAポリメラーゼDNA (T7 DNA1) が λ PLプロモーターの下流に連結されている場合には、培養の温度を上昇させることにより、生成するT7ファージRNAポリメラーゼ1により特異的にT7プロモーターを作動させる。

【0022】

さらに、宿主細胞として細胞死誘導タンパク質に耐性を有する細胞を用いてよい。例えば、 Δ NBaxに耐性の大腸菌等の耐性菌を用いればよい。このような細胞は、細胞をN-メチル-N'-ニトロ-N-ニトロソグアニジン等の化学的変異原または紫外線物理的変異原により変異を起こさせ、細胞死誘導遺伝子に耐性を有する細胞をスクリーニングすることにより入手することができる。例えば、大腸菌に本発明の融合遺伝子を組込み、該組換え大腸菌に人为的に遺伝子変異を起こさせた後に培養した場合、増殖する大腸菌は Δ NBaxに対する耐性を有する大腸菌である。また、大腸菌に人为的に遺伝子変異を起こさせた後に、 Δ NBaxを作用させたときに増殖する大腸菌は Δ NBaxに対する耐性を有する大腸菌である。遺伝子に突然変異を起こさせる化学的変異原および物理的変異原ならびに変異原の利用法および用量は当業者に公知であるし、耐性を有する細胞をスクリーニングする方法も当業者ならば適宜設計することができる。

本発明の融合遺伝子を含む発現ベクターを宿主細胞に導入して融合タンパク質を発現させる場合は以下のようにして行う。

【0023】

ベクターとして、プラスミド、ファージ、ウイルス等の宿主細胞において複製可能である限りいかなるベクターも用いることができる。例えば、pBR322、pBR325、pUC118、pUC119、pKC30、pCFM536等の大腸菌プラスミド、pUB110等の枯草菌プラスミド、pG-1、YEp13、YCP50等の酵母プラスミド、 λ gt110、 λ ZAPII等のファージのDNA等が挙げられ、哺乳類細胞用のベクターとしては、バキュロウイルス、ワクシニアウイルス、アデノウイルス等のウイルスDNA、SV40とその誘導体等が挙げられる。ベクターは、複製開始点、選択マーカー、プロモーターを含み、必要に応じてエンハンサー、転写終結配列（ターミネーター）、リボソーム結合部位、ポリアデニル化シグナル等を含んでいてもよい。前述のように組込んだ遺伝子を誘導的に発現させる場合は、プロモーターとして発現誘導し得るものを使う。

【0024】

ベクターは、商業的に入手可能なものを使用することができ、例えば細菌性のものではpEF1、pPROEX (Invitrogen)、pQE30、pQE31、pQE32、pQE70、pQE60、pQE-9 (Qiagen)、pGEX-5X-1、pGEX-5X-2、pGEX-5X-3、pBluescriptII KS、ptrc99a、pKK223-3、pDR540、pRIT2T(Pharmacia)、pET3a、pET3b、pET3c、pET-11a (Novagen)、pUC118 (宝酒造)、真核性のものではpXT1、pSG5 (Stratagene)、pSVK3、pBPV、pMSG、pSVL、SV40 (Pharmacia) 等がある。

【0025】

複製開始点として、大腸菌ベクターに対して、例えばColiE1、R因子、F因子由来のものが、酵母ベクターに対して、例えば 2μ mDNA、ARS1由来のものが、哺乳類細胞用ベクターに対して、例えばSV40、アデノウイルス、ウシパピローマウイルス由来のものを用いることができる。また、プロモーターとしてアデノウイルス又はSV40プロモーター、大腸菌lacまたはtrpプロモーター、ファージラムダPLプロモーター、酵母用としてのADH、PHO5、GPD、PGK、AOX1プロモーター、蚕細胞用としての核多角体病ウイルス由来プロモーター等を用いることができる。

【0026】

選択マーカーとして、大腸菌用ベクターには、カナマイシン耐性遺伝子、アン

ピシリン耐性遺伝子、テトラサイクリン耐性遺伝子等を、酵母用ベクターには、Leu2、Trp1、Ura3遺伝子等を、哺乳類細胞には、ネオマイシン耐性遺伝子、ハイグロマイシン耐性遺伝子、チミジンキナーゼ遺伝子、ジヒドロ葉酸還元酵素遺伝子等を用いることができる。前述のように組込んだ遺伝子を誘導的に発現させる場合は、プロモーターとしてプロモータ下流の遺伝子の発現を誘導し得るもの要用いる。

【0027】

DNAのベクターへの導入は、任意の方法で行うことができる。ベクターは、種々の制限部位をその内部に持つポリリンカーを含んでいるか、または単一の制限部位を含んでいることが望ましい。ベクター中の特定の制限部位を特定の制限酵素で切断し、その切断部位にDNAを挿入することができる。本発明の融合遺伝子を含む発現ベクターを適切な宿主細胞の形質転換に用いて、宿主細胞に前記融合遺伝子がコードするタンパク質を発現、產生させることができる。

【0028】

宿主細胞としては、HB101、DH5、TG1、JM109、XL1-blue、BL21(DE3)、BL21(DE3)pLysS等の大腸菌、ストレプトミセス、枯草菌等の細菌細胞、アスペルギルス属菌株等の真菌細胞、パン酵母、メタノール資化性酵母等の酵母細胞、ドロソフィラS2、スポドプテラSf9等の昆虫細胞、CHO、COS、BHK、3T3、C127等の哺乳類細胞等が挙げられる。前述のように本発明の細胞死誘導融合タンパク質が含む細胞死誘導タンパク質に対する耐性細胞を用いてもよい。

【0029】

形質転換は、塩化カルシウム、リン酸カルシウム、DEAE-デキストラン介在トランスフェクション、エレクトロポレーション等の公知の方法で行うことができる。

【0030】

得られたリコンビナント融合タンパク質は、各種の分離精製方法により、分離・精製することができる。例えば、硫酸アンモニウム沈殿、ゲルろ過、イオン交換クロマトグラフィー、アフィニティーコロマトグラフィー等を単独でまたは適宜組合せて用いることができる。この際、発現産物がGST等との融合タンパク質

として発現される場合は、目的タンパク質と融合しているタンパク質またはペプチドの性質を利用して精製することもできる。例えばヒスチジンが6個以上並んだアミノ酸配列、いわゆるヒスチジンタグとの融合タンパク質として発現させた場合、ヒスチジンタグを有するタンパク質はキレートカラムに結合するので、キレートカラムを用いて精製することができる、またGSTとの融合タンパク質として発現させた場合、GSTはグルタチオンに対して親和性を有するので、グルタチオンを担体に結合させたカラムを用いるアフィニティクロマトグラフィーにより効率的に精製することができる。

【0031】

このようにして得られた発現産物はN末端からホーミングシグナルペプチド、GFPおよび Δ N_{Bax}が連結した融合タンパク質である。ホーミングシグナルペプチドとしてRGD、 Δ N_{Bax}としてヒトBaxタンパク質のアミノ酸配列の第112位から192位のアミノ酸配列からなる Δ N_{Bax}を用いた場合の融合タンパク質のアミノ酸配列を配列番号4に、ホーミングシグナルペプチドとしてNCR、 Δ N_{Bax}としてヒトBaxタンパク質のアミノ酸配列の第112位から192位のアミノ酸配列からなる Δ N_{Bax}を用いた場合の融合タンパク質のアミノ酸配列を配列番号6に示す。

【0032】

本発明の融合タンパク質は、血管新生している内皮細胞に結合し、 Δ N_{Bax}単独よりも促進された細胞死誘導作用を有する限り、当該アミノ酸配列において少なくとも1個、好ましくは1若しくは数個のアミノ酸に欠失、置換、付加等の変異が生じてもよい。

【0033】

例えば、配列番号4または6で表されるアミノ酸配列の少なくとも1個、好ましくは1又は数個（例えば1～10個、さらに好ましくは1～5個）のアミノ酸が欠失してもよく、配列番号4または6で表わされるアミノ酸配列に少なくとも1個、好ましくは1又は数個（例えば1～10個、さらに好ましくは1～5個）のアミノ酸が付加してもよく、あるいは、配列番号4または6で表されるアミノ酸配列の少なくとも1個、好ましくは1又は数個（例えば1～10個、さらに好ましくは1～5個）のアミノ酸が他のアミノ酸に置換してもよい。この場合のアミノ酸

の欠失、置換、付加は融合タンパク質のホーミングシグナルペプチド、GFP、△N Baxタンパク質のいずれの部分に生じてもよい。

【0034】

上記アミノ酸配列と、BLAST等（例えば、デフォルトすなわち初期設定のパラメータを用いて）を用いて計算したときに、少なくとも85%以上、好ましくは90%以上、さらに好ましくは95%以上、特に好ましくは97%以上の相同意を有しているものも含まれる。

【0035】

ホーミングシグナルペプチドとしてRGDおよびNGR以外のものを用いた場合も、融合タンパク質全体として上述のように一部のアミノ酸が欠失、置換、付加された配列を有する融合タンパク質も、用いたホーミングシグナルペプチドがその標的細胞に結合し、促進された細胞死誘導作用を有する限り、本発明の融合タンパク質に含まれる。

【0036】

本発明は、上記融合タンパク質を有効成分として含む癌細胞増殖抑制剤組成物も含む。該組成物は、種々の形態で投与することができる。このような投与形態としては、錠剤、カプセル剤、顆粒剤、散剤、シロップ剤等による経口投与、あるいは注射剤、点滴剤、座薬などによる非経口投与を挙げることができる。この癌細胞増殖抑制剤は、公知の方法によって製造され、製剤分野において通常用いられる担体、希釈剤、賦形剤を含む。たとえば、錠剤用の担体、賦形剤としては、乳糖、ステアリン酸マグネシウムなどが使用される。注射剤は、融合タンパク質を通常注射剤に用いられる無菌の水性もしくは油性液に溶解、懸濁または乳化することによって調製する。注射用の水性液としては、生理食塩水、ブドウ糖や他の補助薬を含む等張液などが使用され、適当な溶解補助剤、たとえばアルコール、プロピレン glycolなどのポリアルコール、非イオン界面活性剤などと併用してもよい。油性液としては、ゴマ油、大豆油などが使用され、溶解補助剤としては安息香酸ベンジル、ベンジルアルコールなどを併用してもよい。その投与量は、症状、年齢、体重および投与経路に依存するであろうから、医師の判断及び各患者の状況に応じて決定すべきである。有効用量は、in vitroにおける

試験またはin vivoの動物モデル試験系から導かれる。

【0037】

【実施例】

本発明を以下の実施例によって具体的に説明するが、本発明はこれらの実施例によって限定されるものではない。

〔実施例1〕 GFP-△NBaxの作製

(1) GFP-△NBaxの作製

GFP(Green Fluorescence Protein)の遺伝子(DNA断片A)と△NBaxの遺伝子(DNA断片B)を2段階PCR法で結合させた。

【0038】

pGreenlantern (Invitrogen LifeTechnology)を鋳型にして5'側プライマーPrimer 1と3'側プライマーPrimer 2でDNA断片Aを増幅した。Primer 1の3'側半分はGFP遺伝子の開始コドンからのセンスの塩基配列を含み、プライマーの5'端に制限酵素ClaIの切断部位(ATCGAT)を持っている。Primer 2の5'側半分は△NBaxの遺伝子5'側のアンチセンスの配列(Ala112からSer118)を含み、Primer 3と相補的な塩基配列である。また、その3'側半分はGFP遺伝子の終止コドンを除く3'端のアンチセンスの塩基配列である。

【0039】

pEF1BOS-Bax (Biochem Biophys Res Commun. 1998 Feb 13; 243(2):609-616)を鋳型にしてPrimer 3とPrimer 4の組み合わせでDNA断片Bを増幅した。5'側プライマーPrimer 3は△NBax遺伝子の5'端(Baxのアミノ酸残基Ala112からSer118)のセンスの塩基配列である。3'側プライマーPrimer 4は△NBax遺伝子の終止コドンを含む3'端(Baxの3'端)のアンチセンスの配列で、プライマーの5'端には制限酵素XbaIの切断部位(TCTAGA)を持っている。

PCR反応の詳細は以下のとおりである。

反応溶液(溶液量 100 μl) : 10 mM Tris-HCl, pH8.3, 50 mM KC1, 1.5 mM MgCl₂, 0.001% gelatin, dATP, dCTP, dTTP, dGTP 各 0.2 mM
AmpliTaqGOLD: 2.5 U

一対のプライマー: Primer 1とPrimer 2 の組み合わせ、Primer 3とPrimer 4

の組み合わせ（各プライマー 1 μ M）

鑄型DNA: 100 ng

反応条件1：94°C/10分；（94°C/30秒；54°C/30秒；72°C/1分） \times 15サイクル
；72°C/3分

【0040】

反応後、増幅された二つのDNA断片(A, B)は5%ポリアクリルアミドゲル電気泳動で精製した。次いで、上記PCR反応液(25 μ l)にDNA断片A, B(それぞれ50 ng)を混合しAmpliTaqGOLDを使ってそれぞれの相補鎖を合成した。合成条件は以下の反応条件2のとおりとした。

反応条件2：94°C/10分；（94°C/30秒；36°C-42°C/30秒；72°C/1分） \times 5サイクル；72°C/3分

【0041】

反応後、Primer 1とPrimer 4(最終濃度各 1 μ M)とAmpliTaqGOLD(2.5 U)を含むPCR反応液75 μ lを加え、以下の反応条件3によりPCRを実行した。

反応条件1：94°C/10分；（94°C/30秒；54°C/30秒；72°C/1分） \times 12サイクル
；72°C/3分

960 bpのPCR産物を5%ポリアクリルアミドゲル電気泳動で精製し、制限酵素ClaIとXbaIで切断した。ホ乳類細胞発現ベクターpEF-LACABのClaIとXbaI切断部位の間にクローニングし、pEF-LACAB/GFP- Δ Nbaxを得た。

【0042】

(2) GFP- Δ NBaxと Δ NBaxの細胞死誘導活性の比較

Δ NBaxとGFP- Δ NBaxをホ乳類細胞で発現させるために、ベクターとしてpEF-LAC(Edamatsu, H., Kaziro, Y., Itoh, H. Inducible high-level expression vector for mammalian cells, pEF-LAC carrying human elongation factor 1 α promoter and lac operator. Gene (1997) 187: 289-294)を用いた。 Δ NBaxをコードする塩基配列(配列番号3の754位から999位)の5'端に開始コドンATGを付加したDNA断片をpEF-LACのEF1 α プロモータ下流のmultiple cloning sites(XbaI切断部位)に挿入し、pEF-LAC- Δ NBaxを作製した。コントロールプラスミッドとしてはpEF-LACを用いた。

【0043】

同じように、GFP- Δ NBaxをコードする塩基配列（配列番号3の40位から999位）を含むDNA断片をpEF-LACのEF1 α プロモーター下流のmultiple cloning sites（ClaI切断部位とXbaI切断部位の間）にクローニングし、pEF-LAC-GFP Δ NBaxを作製した。

【0044】

細胞死誘導活性は以下に記した様にJurkat細胞に上記のプラスミッドDNAを導入し、遺伝子導入された細胞の生存数をFlow cytometryで計数し、コントロールプラスミッド導入した細胞のそれと比較した。

【0045】

pEF-LAC- Δ NBax 2 μ gにGFPの発現プラスミッドpGreenLantern (Invitrogen Life Technologies) 1 μ gを加えて、SuperFect transfection kit (Qiagen) を用いてJurkat細胞にco-transfectionした。方法はキットに添付されたマニュアルに従った。コントロールとしてpEF-LAC (空ベクター) 2 μ gにpGreenLantern 1 μ gを混合した溶液で同じようにco-transfectionした。加えたpGreenLanternの量が少ないので、pGreenLanternが導入された細胞にはpEF-LAC- Δ NBaxあるいはpEF-LACも導入されている。pEF-LAC-GFP Δ NBax については2 μ gを上記同様SuperFect transfection kitを用いてJurkat細胞にtransfectionした。遺伝子導入された生細胞はGFPによる緑色の蛍光を示す。

【0046】

transfection した後、細胞は10% FBSを含むRPMI1640 培地 (Invitrogen Life Technologies) で5% CO₂/95% Air, 37 °C (BI0-LABO 十慈フィールド(株)) の中で2日間培養し、Flow cytometry (COULTER社 EPICS ELITE ESP) で解析した。細胞をForward scattering (FS) とSide scattering (SS) で正常の大きさの細胞50,000個を選別し（ゲート）、その中でGFPの緑色蛍光 (Em. 488 nm) を発する細胞数を計数した。

【0047】

結果をコントロールpEF-LACでの生細胞数を100にして図1に示した。GFP Δ NBaxを遺伝子導入した生細胞数は、 Δ NBax遺伝子導入した生細胞数にくらべて顕著

に少なく、GFP Δ NBaxの細胞死誘導活性が上昇していることが確認された。

【0048】

〔実施例2〕 RGD-GFP- Δ NBaxとRGD-GFP- Δ NBaxの作製

内皮細胞特異的ホーミングシグナル配列 (RGDおよびNGR) をGFP- Δ NBax融合遺伝子の5' 端に結合するために大腸菌細胞発現ベクターpPROEX1 (Invitrogen Life Technology) を用いた。ベクターpEF-LACABには3個、GFP- Δ Nbax融合遺伝子のGFP遺伝子配列内 (nt. 166) に1個の制限酵素NcoI切断部位が存在する。pEF-LACAB/GFP- Δ NbaxをNcoIで4個のDNA断片に切断し、GFP- Δ NBax融合遺伝子 (全長960 bp) の3' 側794 bp (NcoI-XbaI) を含む約1.3 kbのDNA断片をpPROEX1のNcoI部位に順方向にクローニングし、pPROEX1/ Δ NGFP- Δ NBaxを得た。制限酵素NotIの切断部位がpEF-LACAB由来の配列 (XbaI部位の7塩基対下流) とクローニング断片3' 端 (3' 端NcoI部位) の下流のベクターpPROEX1配列に存在する。pPROEX1/ Δ NGFP- Δ NBaxをNotIで切断し、3' 端NcoI部位を含むpEF-LACAB由来の配列を除いて、pPROEX1/ Δ NGFP- Δ NBax/ Δ NotIを得た。

【0049】

ホーミングシグナルペプチドRGDとNGRをそれぞれ Δ NGFP- Δ NBaxのN末端にPCR法で結合させた。Primer 5はNcoI切断部位に続きホーミングシグナルペプチドRGDをコードする塩基配列とGFP遺伝子の5' 端の塩基配列を含む。上記PCR反応液 (25 μ l) にPrimer 5とpEF-LACAB/GFP- Δ Nbax (それぞれ20 ng) を混合しAmpliTaqGOLDを使ってPrimer 5の相補鎖を合成した。合成条件は以下の反応条件3のとおりとした。

反応条件3：94°C/10分； (94°C/30秒； 44°C-50°C/30秒； 72°C/1分) \times 6サイクル

【0050】

反応後、Primer 6とPrimer 7 (最終濃度各 1 μ M) とAmpliTaqGOLD (2.5 U) を含むPCR反応液75 μ lを加え、以下の反応条件4によりPCRを実行した。

反応条件4：94°C/10分； (94°C/30秒； 50°C/30秒； 72°C/1分) \times 16サイクル
Primer 6はPrimer 5の5' 側半分の塩基配列を持ち、Primer 7はGFP遺伝子nt. 200 からnt. 217までのアンチセンスの塩基配列である。PCR産物を5%ポリアクリ

リルアミドゲル電気泳動で精製し、制限酵素NcoIで切斷した。本断片をNcoIで切斷したpPROEX1/△NGFP-△NBax/△NotIにクローニングし、pPROEX1/RGD-GFP-△NBax/△NotIを得た。本プラスミッドからホーミングシグナルペプチドRGDをN末端に持つGFP-△NBax (RGD-GFP-△NBax) が产生される。DNAシークエンシングによって塩基配列を確認している。

【0051】

Primer 8はNcoI切斷部位に続きホーミングシグナルペプチドNGRをコードする塩基配列とGFP遺伝子の5' 端の塩基配列を含む。上記PCR反応液 (25 μ l) にPrimer 8とpEF-LACAB/GFP-△NBax (それぞれ20 ng) を混合しAmpliTaqGOLDを使ってPrimer 8の相補鎖を合成した。合成条件は反応条件3のとおりとした。反応後、Primer 9とPrimer 7 (最終濃度各 1 μ M) とAmpliTaqGOLD (2.5 U) を含むPCR反応液75 μ lを加え、上記反応条件4によりPCRを実行した。Primer 9はPrimer 8の5' 側半分の塩基配列である。PCR産物を5%ポリアクリルアミドゲル電気泳動で精製し、制限酵素NcoIで切斷した。本断片をNcoIで切斷したpPROEX1/△NGFP-△NBax/△NotIにクローニングし、pPROEX1/NGR-GFP-△NBax/△NotIを得た。本プラスミッドからホーミングシグナルペプチドNGRをN末端に持つGFP-△Bax (NGR-GFP-△Bax) が产生される。DNAシークエンシングによって塩基配列を確認している。

【0052】

〔実施例3〕 RGD-GFP-△NBax遺伝子とRGD-GFP-△NBax遺伝子のベクターpIVEX2.2bNdeへの載せ替えとそれらの遺伝子産物の無細胞系タンパク質合成による產生細胞系のタンパク質合成でNGR-GFP-△BaxおよびRGD-GFP-△Baxを產生させるためにプラスミッドベクターpIVEX2.2bNde (Roche) にクローニングした。方法は実施例2と同じようにGFP遺伝子配列内のNcoIを利用して2段階に分けてクローニングした。

【0053】

pPROEX1/NGR-GFP-△NBax/△NotIをNcoIとXhoIで切斷し、GFP-△NBax融合遺伝子（全長960 bp）の3' 側794 bp (NcoI-XbaI) を含む822 bpのDNA断片を回収した。このDNA断片を予めNcoIとXhoIで切斷したベクターpIVEX2.2bNdeへクローニングし、pIVEX2.2bNde/△NGFP-△NBaxを得た。

【0054】

実施例2と同じように、pPROEX1/NGR-GFP-△NBax/△NotIとpPROEX1/RGD-GFP-△NBax/△NotIをそれぞれ鋳型にしてPCR法でNGR-GFPおよびRGD-GFPの206-bp NcoI DNA断片を増幅した。DNA断片を回収した後、NcoIで処理したpIVEX2.2bNde/△NGFP-△NBaxにクローニングし、pIVEX2.2bNde/NGR-GFP-△NBaxとpIVEX2.2bNde/RGD-GFP-△NBaxを得た。これらのプラスミッドDNAをRoche社のマニュアルに従つてRTS500HYキット（Roche）に加え、細胞系タンパク質合成装置RTSプロテオマスター（Roche）でRGD-GFP-△NBaxタンパク質とNGR-GFP-△NBaxタンパク質を合成した。SDS-PAGE電気泳動においてPAG Mini（第一化学薬品）のゲルを使用し、2D銀染色試薬II（第一化学薬品）を用いた銀染色法と常法のクマシーブリリアントブルー染色法によって合成されたタンパク質の確認とその定量（牛血清アルブミンをスタンダードとして使用）を行なった。

【0055】

Primer 1. 5'-NNATCGATCCACCATGAGCAAGGGCGAG-3' (配列番号 19)

Primer 2. 5'-CTGGCAAAGTAGAAAAGGGCCTGTACAGCTCGTC -3' (配列番号 20)

Primer 3. 5'-GCCCTTTCTACTTTGCCAG -3' (配列番号 21)

Primer 4. 5'-NNTCTAGATCAGCCCATCTTCTTCCA-3' (配列番号 22)

Primer 5. 5'-CCATGGCCTGCGATTGCCGTGGTATTGTTTGTTGGTGG
TATGAGCAAGGGCGAGG -3' (配列番号 23)

Primer 6. 5'-NNNNCCATGGCCTGCGATTGCC-3' (配列番号 24)

Primer 7. 5'-TGGAAAAGCACTGCACGC-3' (配列番号 25)

Primer 8. 5'-CCATGGCCTGCAACGGTCGTTGCCGTGGTATGAGCAAGG
GCGAGG-3' (配列番号 26)

Primer 9. 5'-NNNNCCATGGCCTGCAACGGTC-3' (配列番号 27)

【0056】

〔実施例4〕

(1) 培養細胞の培養

angiogenesisな状態にある細胞としてHUVEC（ヒト臍帯血管内皮細胞：三光純薬）、controlとしてHeLa細胞を使用した。mediumとしてHUVECではEBM-2（三光

純薬) とその添加因子キット (血清、抗生物質含む: 三光純薬) を使用した。HeLaではDMEM/F12 (Invitrogen LifeTechnology) に10%FBS (牛胎児血清; 三光純薬) 、 1 %Penicillin-Streptomycin (LifeTechnology) を添加したものを使用した。

【0057】

(2) 蛋白の導入と細胞死活性の測定

96穴プレートにHUVEC (1.0×10^3 個/well)、HeLa (5.0×10^2 /well) を播種した。1 wellあたりのmedium量は $200 \mu l$ とした。NGR-GFP- Δ N_{Bax}をRTS500HYキット (Roche) にて作製した。合成反溶液 $20 \mu l$ を遠心分離 (12000rpm, 4°C, 10分) した。上清を除去し、沈殿を $20 \mu l$ の溶解液 (6M UREA, 0.15M NaCl, 20mM Hepes pH7.2) で再溶解した。室温にて10分静置後、遠心分離 (12000 rpm, 4°C, 10分) し、その上清をNGR-GFP- Δ N_{Bax}試料として用いた。常法のSDS-PAGE電気泳動法にて、既知量の牛血清アルブミンを標準にしてクマシープリリアントブルー(CBB)による染色の度合いからNGR-GFP- Δ N_{Bax}の濃度を決定したところ、その濃度は $150 \text{ ng}/\mu l$ であった。細胞の培地より抜き取った $150 \mu l$ に下記に示した量のNGR-GFP- Δ N_{Bax}試料を加えて混合し、抜き取った細胞のwellに加え戻した。蛋白質添加後24時間、48時間において細胞障害を判定するためにPI、ヘキスト33342をmedium中で $5 \mu M$ となるように加えた。蛍光顕微鏡 (LEICA DMIRB) にてPI陽性細胞数、ヘキスト陽性細胞数を計数した。それぞれのwellについて重なり合わない6視野 (100倍視野)、合計約1000個の細胞を計数した。

【0058】

2種類の実験を行った。実験1では細胞としてHUVEC細胞のみを用いNGR-GFP- Δ N_{Bax} (750 ng) の代わりに溶媒である溶解液 (6M UREA, 0.15M NaCl, 20mM Hepes pH7.2) を同体積 ($5 \mu l$) 加えたものをコントロールとした。48時間後に評価した。実験2ではHUVEC細胞とHeLa細胞を用い、どちらの細胞にもNGR-GFP- Δ N_{Bax} (200 ngと60 ng) を加えた。24時間後に評価した。結果を表1に示す。表1に示すように48時間後の細胞死(PI陽性率)は、血管新生している内皮細胞のモデル細胞HUVECにNGR-GFP- Δ N_{Bax}融合蛋白質を添加した場合に、同体積の溶媒だけを加えたコントロールより高頻度であった。また、HUVEC細胞にNGR-GFP- Δ N_{Bax}

x融合蛋白質を添加した場合、血管新生しないHeLa細胞にNGR-GFP-△NBax融合蛋白質を添加した場合よりも4～十数倍24時間後の細胞死の割合が高かった。

【0059】

【表1】

実験 1 48 時間後の細胞死 (PI 陽性率)		
	NGR-GFP-△NBax	コントロール (溶媒のみ添加)
HUVEC	42.4%	11.9%
無添加		
		8.5%

実験 2 24 時間後の細胞死 (PI 陽性率)		
	NGR-GFP-△NBax	無添加
	200 ng	60 ng
HUVEC 細胞	13.1%	5.4%
HeLa 細胞	3.2%	0.4%

注：“無添加”は、何も加えない、かつ何も処理しない培地のみでの使用した細胞のPI陽性率である。

【0060】

RGD-GFP-△NBax蛋白質とNGR-GFP-△NBax蛋白質が細胞に導入されていることを確認するために、4穴プレート (SonicSeal Slide; LAB-TEK 社)にHUVECは 1×10^5 個/well、HeLaは 5×10^4 個/wellを各々播種した。NGR-GFP-△NBax融合蛋白質200 ngを添加して、3時間後にそれぞれのmediumを交換し、PI ($5 \mu M$)を加えた。共焦点レーザー走査型顕微鏡 (FLUOVIEWFV300 OLYMPUS) を用いてGFPとPIによる蛍光(対物レンズ10倍)を観察した。図2に細胞中のGFPの存在を示す図を示す。図に示すように細胞死をおこしているHUVECでは細胞中にGFPの蛍光の存在が認められたが(死亡した細胞の核は赤色に見える)、HeLa細胞では認められず、ホーミングシグナルペプチドであるNGRにより融合タンパク質が血管新生を行っている内皮細胞のモデル細胞であるHUVEC細胞にのみ取り込まれていることが明らかになった。また、図3に細胞のPI染色像を示す。左図はHUVEC細胞をNGR-GFP-△NBax融合タンパク質で処理したもの、右図はHeLa細胞をNGR-GFP-△NBax融合タンパク質で処理したものである。図に示すようにHUVEC細胞でより多くのPI陽性細胞が認められた。図3の下には、HUVEC細胞をNGR-GFP-△NBax融合タンパク質で処

理したものの中の一部分の拡大図を示すが、この拡大図中でPIで示される細胞（PI陽性細胞）が死亡した細胞であり、Hで示される細胞（ヘキスト陽性細胞）が生きている細胞である。

【0061】

【発明の効果】

実施例4の結果が示すように、ホーミングシグナルペプチド、GFPおよび△NBaxをこの順で融合させた融合タンパク質は、血管新生している細胞において特異的に強く細胞死を誘導した。このことは、融合タンパク質のホーミングシグナルペプチドの作用により融合タンパク質が血管新生している細胞に特異的に取り込まれ、GFPで細胞死誘導作用が増大した△NBaxの作用で、細胞死が誘導されたことを示す。この結果より、本発明の融合タンパク質が血管新生している癌細胞の死を特異的に強く誘導し得、癌細胞増殖抑制剤、すなわち抗癌剤として有用であることが判明した。

【0062】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> NIPPON MEDICAL SCHOOL

<120> Fusion cell death inducing gene specifically acting on
vascularizing endothelial cells

<130> P02-1021

<140>

<141>

<160> 27

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 579

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(579)

<400> 1

atg gac ggg tcc ggg gag cag ccc aga ggc ggg ggg ccc acc agc tct 48
Met Asp Gly Ser Gly Glu Gln Pro Arg Gly Gly Pro Thr Ser Ser
1 5 10 15

gag cag atc atg aag aca ggg gcc ctt ttg ctt cag ggt ttc atc cag 96
Glu Gln Ile Met Lys Thr Gly Ala Leu Leu Leu Gln Gly Phe Ile Gln
20 25 30

gat cga gca ggg cga atg ggg ggg gag gca ccc gag ctg gcc ctg gac 144
Asp Arg Ala Gly Arg Met Gly Glu Ala Pro Glu Leu Ala Leu Asp
35 40 45

ccg gtg cct cag gat gcg tcc acc aag aag ctg agc gag tgt ctc aag 192
Pro Val Pro Gln Asp Ala Ser Thr Lys Lys Leu Ser Glu Cys Leu Lys
50 55 60

cgc atc ggg gac gaa ctg gac agt aac atg gag ctg cag agg atg att 240

Arg Ile Gly Asp Glu Leu Asp Ser Asn Met Glu Leu Gln Arg Met Ile
 65 70 75 80

gcc gcc gtg gac aca gac tcc ccc cga gag gtc ttt ttc cga gtg gca 288
 Ala Ala Val Asp Thr Asp Ser Pro Arg Glu Val Phe Phe Arg Val Ala
 85 90 95

gct gac atg ttt tct gac ggc aac ttc aac tgg ggc cgg gtt gtc gcc 336
 Ala Asp Met Phe Ser Asp Gly Asn Phe Asn Trp Gly Arg Val Val Ala
 100 105 110

ctt ttc tac ttt gcc agc aaa ctg gtg ctc aag gcc ctg tgc acc aag 384
 Leu Phe Tyr Phe Ala Ser Lys Leu Val Leu Lys Ala Leu Cys Thr Lys
 115 120 125

gtg ccg gaa ctg atc aga acc atc atg ggc tgg aca ttg gac ttc ctc 432
 Val Pro Glu Leu Ile Arg Thr Ile Met Gly Trp Thr Leu Asp Phe Leu
 130 135 140

cgg gag cggtt ggc tgg atc caa gac cag ggt tgg gac ggc 480
 Arg Glu Arg Leu Leu Gly Trp Ile Gln Asp Gln Gly Gly Trp Asp Gly
 145 150 155 160

ctc ctc tcc tac ttt ggg acg ccc acg tgg cag acc gtg acc atc ttt 528
 Leu Leu Ser Tyr Phe Gly Thr Pro Thr Trp Gln Thr Val Thr Ile Phe
 165 170 175

gtg gcg gga gtg ctc acc gcc tcg ctc acc atc tgg aag aag atg ggc 576
 Val Ala Gly Val Leu Thr Ala Ser Leu Thr Ile Trp Lys Lys Met Gly

180

185

190

tga

579

<210> 2

<211> 192

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

Met Asp Gly Ser Gly Glu Gln Pro Arg Gly Gly Gly Pro Thr Ser Ser

1

5

10

15

Glu Gln Ile Met Lys Thr Gly Ala Leu Leu Leu Gln Gly Phe Ile Gln

20

25

30

Asp Arg Ala Gly Arg Met Gly Gly Glu Ala Pro Glu Leu Ala Leu Asp

35

40

45

Pro Val Pro Gln Asp Ala Ser Thr Lys Lys Leu Ser Glu Cys Leu Lys

50

55

60

Arg Ile Gly Asp Glu Leu Asp Ser Asn Met Glu Leu Gln Arg Met Ile

65

70

75

80

Ala Ala Val Asp Thr Asp Ser Pro Arg Glu Val Phe Phe Arg Val Ala

85

90

95

Ala Asp Met Phe Ser Asp Gly Asn Phe Asn Trp Gly Arg Val Val Ala

100

105

110

Leu Phe Tyr Phe Ala Ser Lys Leu Val Leu Lys Ala Leu Cys Thr Lys

115

120

125

Val Pro Glu Leu Ile Arg Thr Ile Met Gly Trp Thr Leu Asp Phe Leu

130

135

140

Arg Glu Arg Leu Leu Gly Trp Ile Gln Asp Gln Gly Gly Trp Asp Gly

145

150

155

160

Leu Leu Ser Tyr Phe Gly Thr Pro Thr Trp Gln Thr Val Thr Ile Phe

165

170

175

Val Ala Gly Val Leu Thr Ala Ser Leu Thr Ile Trp Lys Lys Met Gly

180

185

190

<210> 3

<211> 999

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(999)

<400> 3

atg gcc tgc gat tgc cgt ggt gat tgt ttt tgt ggt ggt atg agc aag 48

Met Ala Cys Asp Cys Arg Gly Asp Cys Phe Cys Gly Gly Met Ser Lys

1

5

10

15

ggc gag gaa ctg ttc act ggc gtg gtc cca att ctc gtg gaa ctg gat 96

Gly Glu Glu Leu Phe Thr Gly Val Val Pro Ile Leu Val Glu Leu Asp

20

25

30

ggc gat gtg aat ggg cac aaa ttt tct gtc agc gga gag ggt gaa ggt 144

Gly Asp Val Asn Gly His Lys Phe Ser Val Ser Gly Glu Gly Glu Gly

35

40

45

gat gcc aca tac gga aag ctc acc ctg aaa ttc atc tgc acc act gga 192

Asp Ala Thr Tyr Gly Lys Leu Thr Leu Lys Phe Ile Cys Thr Thr Gly

50

55

60

aag ctc cct gtg cca tgg cca aca ctg gtc act acc ttc acc tat ggc 240

Lys Leu Pro Val Pro Trp Pro Thr Leu Val Thr Thr Phe Thr Tyr Gly

65

70

75

80

gtg cag tgc ttt tcc aga tac cca gac cat atg aag cag cat gac ttt 288

Val Gln Cys Phe Ser Arg Tyr Pro Asp His Met Lys Gln His Asp Phe

85

90

95

ttc aag agc gcc atg ccc gag ggc tat gtg cag gag aga acc atc ttt 336

Phe Lys Ser Ala Met Pro Glu Gly Tyr Val Gln Glu Arg Thr Ile Phe

100

105

110

ttc aaa gat gac ggg aac tac aag acc cgc gct gaa gtc aag ttc gaa 384

Phe Lys Asp Asp Gly Asn Tyr Lys Thr Arg Ala Glu Val Lys Phe Glu

115

120

125

ggt gac acc ctg gtg aat aga atc gag ctg aag ggc att gac ttt aag 432

Gly Asp Thr Leu Val Asn Arg Ile Glu Leu Lys Gly Ile Asp Phe Lys

130

135

140

gag gat gga aac att ctc ggc cac aag ctg gaa tac aac tat aac tcc 480

Glu Asp Gly Asn Ile Leu Gly His Lys Leu Glu Tyr Asn Tyr Asn Ser

145

150

155

160

cac aat gtg tac atc atg gcc gac aag caa aag aat ggc atc aag gtc 528
 His Asn Val Tyr Ile Met Ala Asp Lys Gln Lys Asn Gly Ile Lys Val

165

170

175

aac ttc aag atc aga cac aac att gag gat gga tcc gtg cag ctg gcc 576
 Asn Phe Lys Ile Arg His Asn Ile Glu Asp Gly Ser Val Gln Leu Ala
 180 185 190

gac cat tat caa cag aac act cca atc ggc gac ggc cct gtg ctc ctc 624
 Asp His Tyr Gln Gln Asn Thr Pro Ile Gly Asp Gly Pro Val Leu Leu
 195 200 205

cca gac aac cat tac ctg tcc acc cag tct gcc ctg tct aaa gat ccc 672
 Pro Asp Asn His Tyr Leu Ser Thr Gln Ser Ala Leu Ser Lys Asp Pro
 210 215 220

aac gaa aag aga gac cac atg gtc ctg ctg gag ttt gtg acc gct gct 720
 Asn Glu Lys Arg Asp His Met Val Leu Leu Glu Phe Val Thr Ala Ala
 225 230 235 240

ggg atc aca cat ggc atg gac gag ctg tac aag gcc ctt ttc tac ttt 768
 Gly Ile Thr His Gly Met Asp Glu Leu Tyr Lys Ala Leu Phe Tyr Phe
 245 250 255

gcc agc aaa ctg gtg ctc aag gcc ctg tgc acc aag gtg ccg gaa ctg 816
 Ala Ser Lys Leu Val Leu Lys Ala Leu Cys Thr Lys Val Pro Glu Leu
 260 265 270

atc aga acc atc atg ggc tgg aca ttg gac ttc ctc cg_g gag cg_g ctg 864

Ile Arg Thr Ile Met Gly Trp Thr Leu Asp Phe Leu Arg Glu Arg Leu

275

280

285

ttg ggc tgg atc caa gac cag ggt ggt tgg gac gg_c ctc ctc tcc tac 912

Leu Gly Trp Ile Gln Asp Gln Gly Gly Trp Asp Gly Leu Leu Ser Tyr

290

295

300

ttt ggg acg ccc acg tgg cag acc gtg acc atc ttt gtg gc_g gga gtg 960

Phe Gly Thr Pro Thr Trp Gln Thr Val Thr Ile Phe Val Ala Gly Val

305

310

315

320

ctc acc gcc tca ctc acc atc tgg aag aag atg gg_c tga 999

Leu Thr Ala Ser Leu Thr Ile Trp Lys Lys Met Gly

325

330

<210> 4

<211> 332

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 4

Met Ala Cys Asp Cys Arg Gly Asp Cys Phe Cys Gly Gly Met Ser Lys

1

5

10

15

Gly Glu Glu Leu Phe Thr Gly Val Val Pro Ile Leu Val Glu Leu Asp

20

25

30

Gly Asp Val Asn Gly His Lys Phe Ser Val Ser Gly Glu Gly Glu Gly

35	40	45
Asp Ala Thr Tyr Gly Lys Leu Thr Leu Lys Phe Ile Cys Thr Thr Gly		
50	55	60
Lys Leu Pro Val Pro Trp Pro Thr Leu Val Thr Thr Phe Thr Tyr Gly		
65	70	75
Val Gln Cys Phe Ser Arg Tyr Pro Asp His Met Lys Gln His Asp Phe		
85	90	95
Phe Lys Ser Ala Met Pro Glu Gly Tyr Val Gln Glu Arg Thr Ile Phe		
100	105	110
Phe Lys Asp Asp Gly Asn Tyr Lys Thr Arg Ala Glu Val Lys Phe Glu		
115	120	125
Gly Asp Thr Leu Val Asn Arg Ile Glu Leu Lys Gly Ile Asp Phe Lys		
130	135	140
Glu Asp Gly Asn Ile Leu Gly His Lys Leu Glu Tyr Asn Tyr Asn Ser		
145	150	155
His Asn Val Tyr Ile Met Ala Asp Lys Gln Lys Asn Gly Ile Lys Val		
165	170	175
Asn Phe Lys Ile Arg His Asn Ile Glu Asp Gly Ser Val Gln Leu Ala		
180	185	190
Asp His Tyr Gln Gln Asn Thr Pro Ile Gly Asp Gly Pro Val Leu Leu		
195	200	205
Pro Asp Asn His Tyr Leu Ser Thr Gln Ser Ala Leu Ser Lys Asp Pro		
210	215	220
Asn Glu Lys Arg Asp His Met Val Leu Leu Glu Phe Val Thr Ala Ala		
225	230	235
Gly Ile Thr His Gly Met Asp Glu Leu Tyr Lys Ala Leu Phe Tyr Phe		
245	250	255
Ala Ser Lys Leu Val Leu Lys Ala Leu Cys Thr Lys Val Pro Glu Leu		
260	265	270

Ile Arg Thr Ile Met Gly Trp Thr Leu Asp Phe Leu Arg Glu Arg Leu
 275 280 285
 Leu Gly Trp Ile Gln Asp Gln Gly Gly Trp Asp Gly Leu Leu Ser Tyr
 290 295 300
 Phe Gly Thr Pro Thr Trp Gln Thr Val Thr Ile Phe Val Ala Gly Val
 305 310 315 320
 Leu Thr Ala Ser Leu Thr Ile Trp Lys Lys Met Gly
 325 330

<210> 5

<211> 987

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(987)

<400> 5

atg gcc tgc aac ggt cgt tgc ggt ggt atg agc aag ggc gag gaa ctg 48

Met Ala Cys Asn Gly Arg Cys Gly Gly Met Ser Lys Gly Glu Glu Leu

1

5

10

15

ttc act ggc gtg gtc cca att ctc gtg gaa ctg gat ggc gat gtg aat 96

Phe Thr Gly Val Val Pro Ile Leu Val Glu Leu Asp Gly Asp Val Asn

20

25

30

ggg cac aaa ttt tct gtc agc gga gag ggt gaa ggt gat gcc aca tac 144

Gly His Lys Phe Ser Val Ser Gly Glu Gly Glu Asp Ala Thr Tyr

35

40

45

gga aag ctc acc ctg aaa ttc atc tgc acc act gga aag ctc cct gtg 192

Gly Lys Leu Thr Leu Lys Phe Ile Cys Thr Thr Gly Lys Leu Pro Val

50

55

60

cca tgg cca aca ctg gtc act acc ttc acc tat ggc gtg cag tgc ttt 240

Pro Trp Pro Thr Leu Val Thr Phe Thr Tyr Gly Val Gln Cys Phe

65

70

75

80

tcc aga tac cca gac cat atg aag cag cat gac ttt ttc aag agc gcc 288

Ser Arg Tyr Pro Asp His Met Lys Gln His Asp Phe Phe Lys Ser Ala

85

90

95

atg ccc gag ggc tat gtg cag gag aga acc atc ttt ttc aaa gat gac 336

Met Pro Glu Gly Tyr Val Gln Glu Arg Thr Ile Phe Phe Lys Asp Asp

100

105

110

ggg aac tac aag acc cgc gct gaa gtc aag ttc gaa ggt gac acc ctg 384

Gly Asn Tyr Lys Thr Arg Ala Glu Val Lys Phe Glu Asp Thr Leu

115

120

125

gtg aat aga atc gag ctg aag ggc att gac ttt aag gag gat gga aac 432

Val Asn Arg Ile Glu Leu Lys Gly Ile Asp Phe Lys Glu Asp Gly Asn

130

135

140

att ctc ggc cac aag ctg gaa tac aac tat aac tcc cac aat gtg tac 480

Ile Leu Gly His Lys Leu Glu Tyr Asn Tyr Asn Ser His Asn Val Tyr
 145 150 155 160

atc atg gcc gac aag caa aag aat ggc atc aag gtc aac ttc aag atc 528
 Ile Met Ala Asp Lys Gln Lys Asn Gly Ile Lys Val Asn Phe Lys Ile
 165 170 175

aga cac aac att gag gat gga tcc gtg cag ctg gcc gac cat tat caa 576
 Arg His Asn Ile Glu Asp Gly Ser Val Gln Leu Ala Asp His Tyr Gln
 180 185 190

cag aac act cca atc ggc gac ggc cct gtg ctc ctc cca gac aac cat 624
 Gln Asn Thr Pro Ile Gly Asp Gly Pro Val Leu Leu Pro Asp Asn His
 195 200 205

tac ctg tcc acc cag tct gcc ctg tct aaa gat ccc aac gaa aag aga 672
 Tyr Leu Ser Thr Gln Ser Ala Leu Ser Lys Asp Pro Asn Glu Lys Arg
 210 215 220

gac cac atg gtc ctg ctg gag ttt gtg acc gct gct ggg atc aca cat 720
 Asp His Met Val Leu Leu Glu Phe Val Thr Ala Ala Gly Ile Thr His
 225 230 235 240

ggc atg gac gag ctg tac aag gcc ctt ttc tac ttt gcc agc aaa ctg 768
 Gly Met Asp Glu Leu Tyr Lys Ala Leu Phe Tyr Phe Ala Ser Lys Leu
 245 250 255

gtg ctc aag gcc ctg tgc acc aag gtg ccg gaa ctg atc aga acc atc 816
 Val Leu Lys Ala Leu Cys Thr Lys Val Pro Glu Leu Ile Arg Thr Ile

260

265

270

atg ggc tgg aca ttg gac ttc ctc cg^g gag cg^g ctg ttg gg^c tgg atc 864

Met Gly Trp Thr Leu Asp Phe Leu Arg Glu Arg Leu Leu Gly Trp Ile

275

280

285

caa gac cag ggt ggt tgg gac gg^c ctc ctc tcc tac ttt gg^g ac^g cc^c 912

Gln Asp Gln Gly Gly Trp Asp Gly Leu Leu Ser Tyr Phe Gly Thr Pro

290

295

300

acg tgg cag acc gtg acc atc ttt gtg gc^g gga gtg ctc acc gg^c tca 960

Thr Trp Gln Thr Val Thr Ile Phe Val Ala Gly Val Leu Thr Ala Ser

305

310

315

320

ctc acc atc tgg aag aag atg gg^c tga 987

Leu Thr Ile Trp Lys Lys Met Gly

325

<210> 6

<211> 328

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 6

Met Ala Cys Asn Gly Arg Cys Gly Gly Met Ser Lys Gly Glu Glu Leu

1

5

10

15

Phe Thr Gly Val Val Pro Ile Leu Val Glu Leu Asp Gly Asp Val Asn

20

25

30

Gly His Lys Phe Ser Val Ser Gly Glu Gly Glu Gly Asp Ala Thr Tyr
 35 40 45
 Gly Lys Leu Thr Leu Lys Phe Ile Cys Thr Thr Gly Lys Leu Pro Val
 50 55 60
 Pro Trp Pro Thr Leu Val Thr Thr Phe Thr Tyr Gly Val Gln Cys Phe
 65 70 75 80
 Ser Arg Tyr Pro Asp His Met Lys Gln His Asp Phe Phe Lys Ser Ala
 85 90 95
 Met Pro Glu Gly Tyr Val Gln Glu Arg Thr Ile Phe Phe Lys Asp Asp
 100 105 110
 Gly Asn Tyr Lys Thr Arg Ala Glu Val Lys Phe Glu Gly Asp Thr Leu
 115 120 125
 Val Asn Arg Ile Glu Leu Lys Gly Ile Asp Phe Lys Glu Asp Gly Asn
 130 135 140
 Ile Leu Gly His Lys Leu Glu Tyr Asn Tyr Asn Ser His Asn Val Tyr
 145 150 155 160
 Ile Met Ala Asp Lys Gln Lys Asn Gly Ile Lys Val Asn Phe Lys Ile
 165 170 175
 Arg His Asn Ile Glu Asp Gly Ser Val Gln Leu Ala Asp His Tyr Gln
 180 185 190
 Gln Asn Thr Pro Ile Gly Asp Gly Pro Val Leu Leu Pro Asp Asn His
 195 200 205
 Tyr Leu Ser Thr Gln Ser Ala Leu Ser Lys Asp Pro Asn Glu Lys Arg
 210 215 220
 Asp His Met Val Leu Leu Glu Phe Val Thr Ala Ala Gly Ile Thr His
 225 230 235 240
 Gly Met Asp Glu Leu Tyr Lys Ala Leu Phe Tyr Phe Ala Ser Lys Leu
 245 250 255
 Val Leu Lys Ala Leu Cys Thr Lys Val Pro Glu Leu Ile Arg Thr Ile

260

265

270

Met Gly Trp Thr Leu Asp Phe Leu Arg Glu Arg Leu Leu Gly Trp Ile

275

280

285

Gln Asp Gln Gly Gly Trp Asp Gly Leu Leu Ser Tyr Phe Gly Thr Pro

290

295

300

Thr Trp Gln Thr Val Thr Ile Phe Val Ala Gly Val Leu Thr Ala Ser

305

310

315

320

Leu Thr Ile Trp Lys Lys Met Gly

325

<210> 7

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Homing peptide

<400> 7

Cys Leu Ser Ser Arg Leu Asp Ala Cys

1

5

<210> 8

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Homing peptide

<400> 8

Cys Asn Ser Arg Leu His Leu Arg Cys

1

5

<210> 9

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Homing peptide

<400> 9

Cys Glu Asn Trp Trp Gly Asp Val Cys

1

5

<210> 10

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Homing peptide

<400> 10

Trp Arg Cys Val Leu Arg Glu Gly Pro Ala Gly Gly Cys Ala Trp Phe

1

5

10

15

Asn Arg His Arg Leu

20

<210> 11

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Homing peptide

<400> 11

Cys Leu Pro Val Ala Ser Cys

1

5

<210> 12

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Homing peptide

<400> 12

Cys Gly Ala Arg Glu Met Cys

1

5

<210> 13

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Homing peptide

<400> 13

Cys Lys Ser Thr His Asp Arg Leu Cys

1

5

<210> 14

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Homing peptide

<400> 14

Cys Gly Asn Lys Arg Thr Arg Gly Cys

1

5

<210> 15

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Homing peptide

<400> 15

Ala Pro Arg Pro Gly

1

5

<210> 16

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Homing peptide

<400> 16

Lys Gln Ala Gly Asp Val

1

5

<210> 17

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Homing peptide

<400> 17

Lys Arg Leu Asp Gly Ser

1

5

<210> 18

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Homing peptide

<400> 18

Asp Gly Glu Ala

1

<210> 19

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(2)

<223> n is A, C, G or T

<400> 19

nnatcgatcc accatgagca agggcgag

28

<210> 20

<211> 35

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<400> 20

ctggcaaagt agaaaaggc cttgtacagc tcgtc

35

<210> 21

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<400> 21

gccctttctt actttgccag

20

<210> 22

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(2)

<223> n is A, C, G or T

<400> 22

nntcttagatc agcccatctt cttcca

26

<210> 23

<211> 57

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<400> 23

ccatggcctg cgattgccgt ggtgattttt tttgtgggttatgagcaagg ggcgagg 57

<210> 24

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(4)

<223> n is A, C, G or T

<400> 24

nnnnccatgg cctgcgattg cc

22

<210> 25

<211> 18

<212> DNA



<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<400> 25

tggaaaagca ctgcacgc

18

<210> 26

<211> 45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<400> 26

ccatggcctg caacggtcgt tgccgtggta tgagcaaggg cgagg

45

<210> 27

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(4)

<223> n is A, C, G or T

<400> 27

nnnnccatgg cctgcaacgg tc

22

【0063】

【配列表フリーテキスト】

配列番号 7～18：ホーミングシグナルペプチド

配列番号 19～27：プライマー

【図面の簡単な説明】

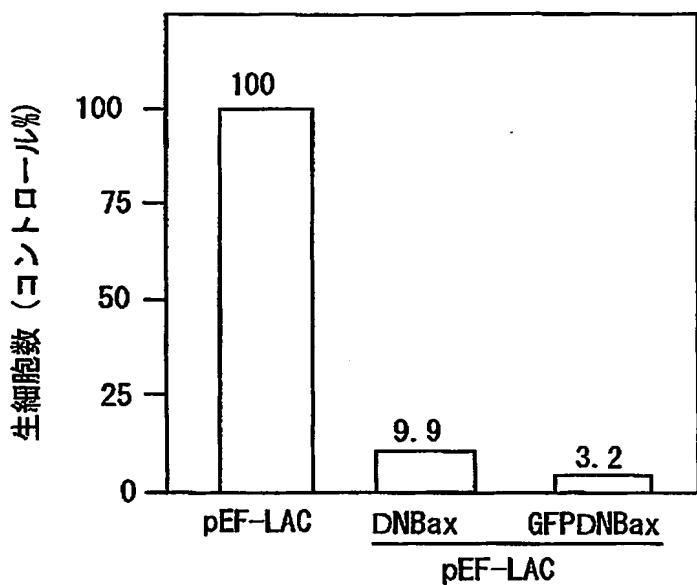
【図 1】 GFP-△NBax と △NBax の細胞死誘導活性の比較の結果を示す図である。

【図 2】 NGR-GFP-△NBax の細胞への取込みを示す図である。

【図 3】 PI陽性像を示す図である。

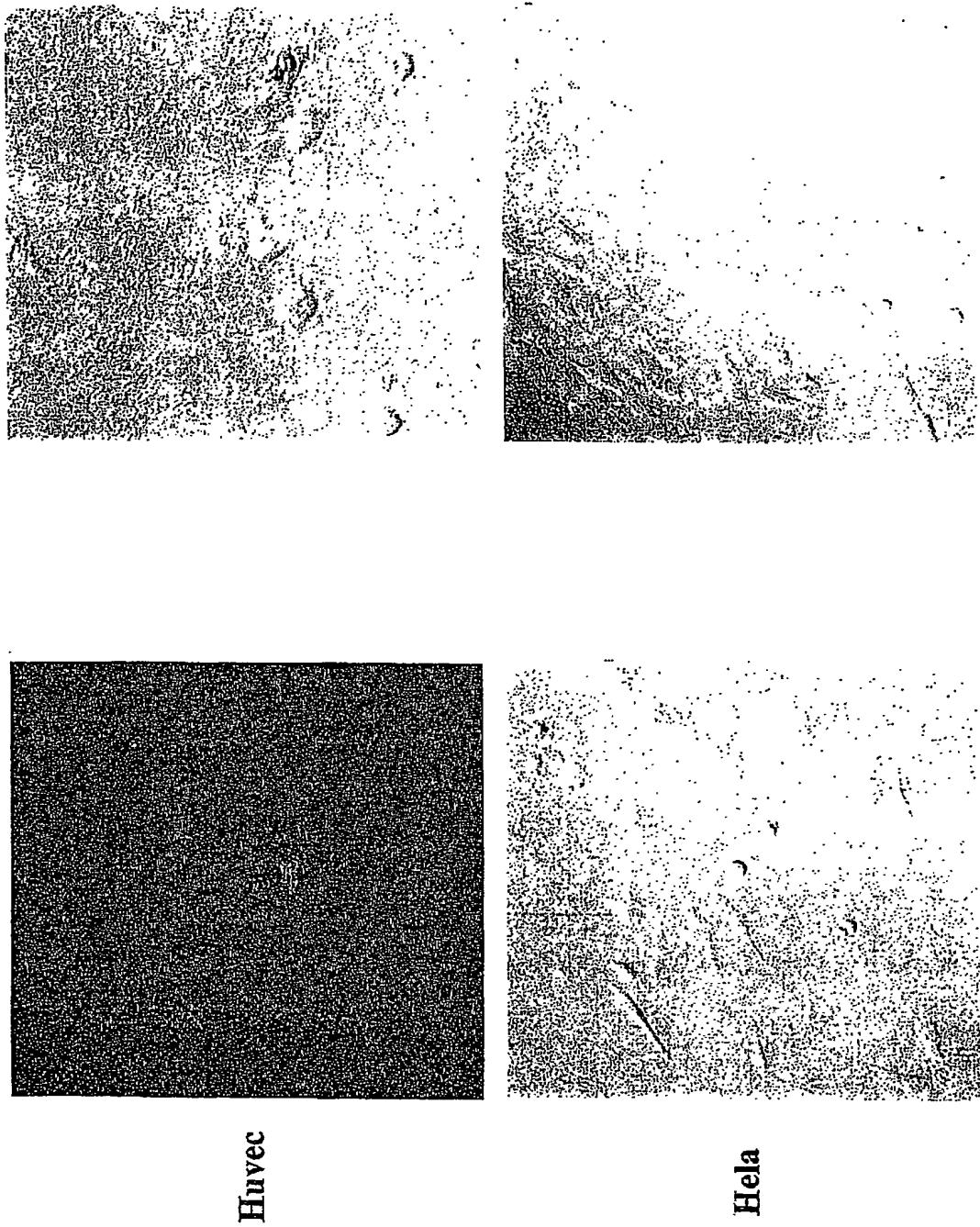
【書類名】 図面

【図 1】

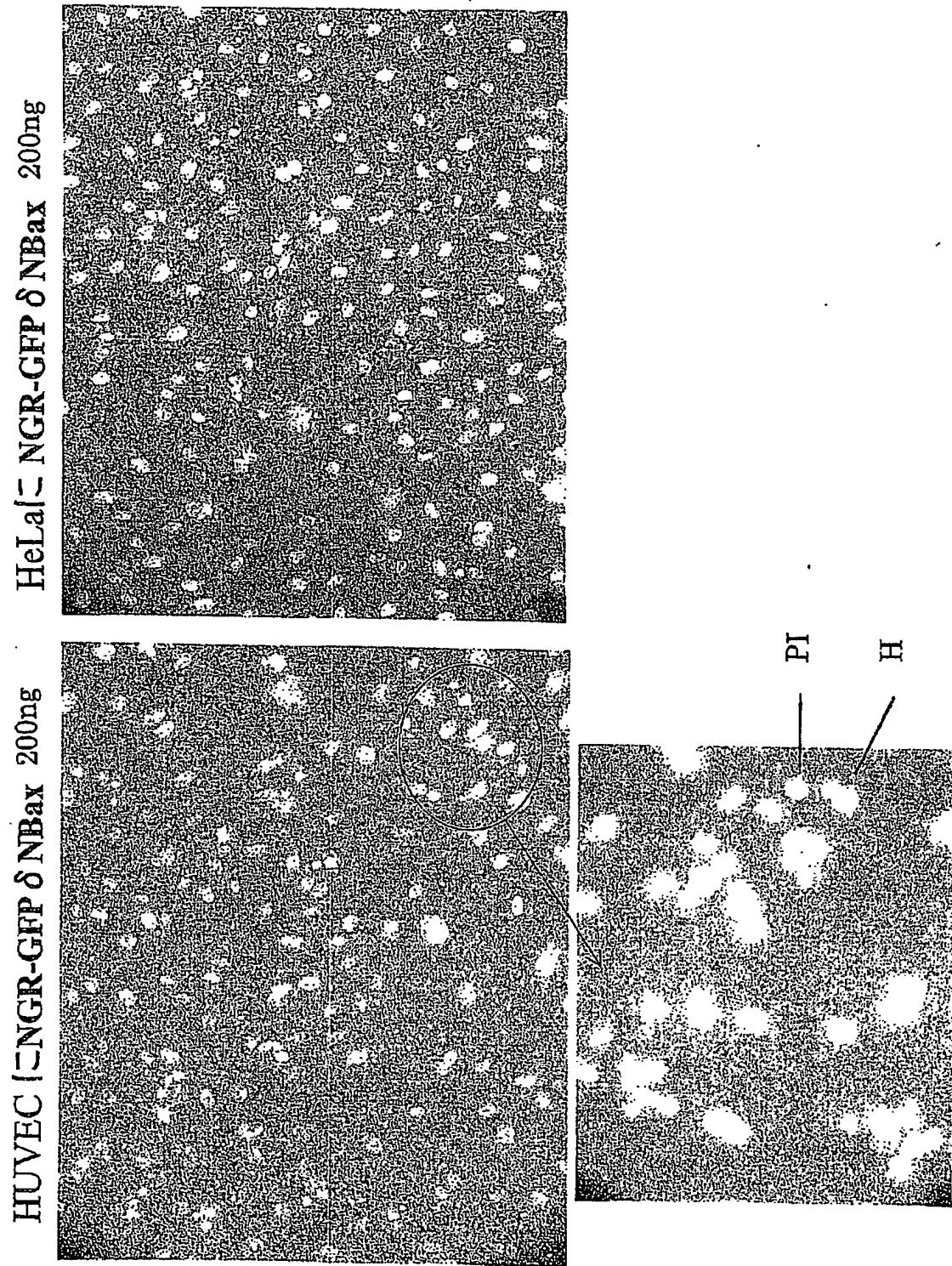


【図2】

NGFR-GFP-dNBax[+Huvec]に取り込まれるが、HeLaには入らない



【図3】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 強力な細胞死誘導作用を有するタンパク質、すなわちGFPをN末端に融合した改変型Baxタンパク質のN末端側にさらに癌細胞へのホーミング作用を有するホーミングシグナルペプチドを融合させた融合タンパク質、該融合タンパク質をコードする遺伝子、および該融合タンパク質を含む癌細胞増殖抑制剤の提供。

【解決手段】 癌細胞に特異的に作用する細胞死誘導遺伝子を含む融合遺伝子であって、癌細胞に特異的なホーミングシグナルペプチド配列をコードする遺伝子、グリーン蛍光タンパク質（GFP）をコードする遺伝子およびヒトBaxのBH3領域を含むN末端配列を除去した△NBaxをコードする遺伝子をこの順番で融合させた融合遺伝子および該融合遺伝子がコードする融合タンパク質。

【選択図】 なし

特願 2003-081337

出願人履歴情報

識別番号 [803000034]

1. 変更年月日 2003年 2月 21日

[変更理由] 新規登録

住 所 東京都文京区千駄木1丁目1番5号
氏 名 学校法人日本医科大学